



Identification de 2 QTLs explicatifs de la croissance et de la production de latex chez *Hevea brasiliensis*

André Clément-Demange*, Ms Ratchanee Rattanawong**, Ms Kanlaya Prapan**, Ms Napawan Lekawipat**, Ms Kanikar Teerawatanasuk**, Poonpipope Kasemsap***, Marc Seguin*.

* : Cirad, Umr 1096-DAP (Développement et Amélioration des Plantes), France

** : Rrit-Doa, Thaïlande

*** : Kasetsart University, Thaïlande

Contact : andre.clement-demange@cirad.fr

Résumé

La Thaïlande est le premier producteur mondial de caoutchouc naturel qui représente 43 % de l'ensemble des élastomères (naturel + synthétique). Les variétés d'hévéa sont des clones hétérozygotes multipliés par greffage sur porte-greffes issus de graines. La première identification de QTLs chez l'hévéa a d'abord été réalisée au Cirad avec des marqueurs RFLP pour l'étude de la tolérance à la maladie sud-américaine des feuilles dans le cadre d'une coopération avec Michelin [1]. On est ensuite passé à l'utilisation de marqueurs SSR (microsatellites) pour la détection de QTLs associés à la croissance et à la production de latex de l'hévéa [2]. Deux QTLs importants ont été trouvés concernant la croissance et la production de latex. Leur utilisation en Sélection Assistée par Marqueurs, lors du screening initial très précoce des génotypes issus de la recombinaison par pollinisation manuelle, permettrait d'améliorer significativement l'efficacité de la sélection clonale.

Matériel et méthodes

La cartographie génétique de la famille de plein-frères RRIM600 x PB217 (*Hevea brasiliensis*), réalisée à l'aide du logiciel JoinMap3, a porté sur le génotype de 196 descendants avec 247 marqueurs microsatellites et 180 marqueurs AFLP.



Groupe de linkage	Longueur (cM)	Nbre de marqueurs	Distance moyenne entre deux marqueurs successifs (cM)
1	89.1	20	4.46
2	125.9	24	5.24
3	108.2	24	4.51
4	109.2	27	4.04
5	135.2	32	4.22
6	106.9	19	5.62
7	105.0	20	5.25
8	118.3	37	3.14
9	105.0	19	5.53
10	173.0	39	4.43
11	117.3	18	6.52
12	99.3	24	4.14
13	122.9	21	5.85
14	117.5	22	5.34
15	126.9	23	5.52
16	118.7	21	5.65
17	98.8	23	4.30
18	99.7	14	7.12
Total	2074.8	427	4.86

Le phénotypage en champ de ces 196 descendants est réalisé en Thaïlande sur un essai de 6 hectares dans un dispositif en alpha-plan [3]. Les mesures ont porté sur 2450 arbres individuels concernant la croissance des arbres (jusqu'à 5 ans) et la production mensuelle de latex (à partir de 5 ans, pendant 5 mois et selon un système de saignée peu intensif sans stimulation éthylénique). Pour caractériser physiologiquement les conditions de la production, on a réalisé sur 793 arbres des mesures particulières pendant certains jours de saignée : taux de caoutchouc sec « Drc », et taux de phosphore inorganique « Pi » du latex (mesures répétées 3 fois); production des 5 premières minutes d'écoulement du latex « W1 », et production de l'écoulement ultérieur jusqu'à la coagulation « W2 » (mesures répétées 2 fois). Les héritabilités et les estimations de valeur génétique ont été calculées à l'aide du logiciel Sas (procédures Varcomp et Lsmmeans). La détection de QTLs a été faite à l'aide du logiciel MapQTL5 (procédure Interval Mapping).



Résultats

Croissance jusqu'à 5 ans – Hauteur, diamètre et circonférence du tronc à 10 cm ou à 1 m du sol. Héritabilité, position du QTL, signification et pourcentage d'explication de la variabilité génétique.

Définition	Age (mois)	h ²	Groupe	Marqueur	Position	Lod-score	% explication
Hauteur	17	0.18	g3	A312	60	4.7	10
Diamètre à 10 cm	18	0.33	g3	A312	60	10.8	23
Diamètre à 1 m	18	0.26	g3	A312	60	7.5	16
Diamètre à 10 cm	23	0.30	g3	A312	60	11.3	23
Diamètre à 1 m	23	0.25	g3	A312	60	9.0	19
Hauteur	30	0.37	g3	A312	60	3.1	7
Circonférence	31	0.25	g3	A312	60	9.5	20
Circonférence	36	0.22	g3	A312	60	6.6	14
Circonférence	43	0.14	g3	A312	60	10.3	22
Hauteur	47	0.16	g3	A312	59	3.1	7
Circonférence	47	0.19	g3	A312	60	10.2	21
Circonférence	53	0.32	g3	A312	60	14.2	28
Circonférence	59	0.34	g3	A312	60	15.4	31

Production de latex à 5 ans, phosphore inorganique (Pi), teneur en caoutchouc sec (Drc), écoulement des 5 premières minutes (W1) et écoulement ultérieur (W2)

Corrélations génétiques :

r	Production	Pi	Drc	W1	W2
Production	1				
Pi	0.78	1			
Drc	-0.55	-0.58	1		
W1	0.34	0.13	-0.01	1	
W2	0.86	0.73	-0.60	0.33	1

Gras : Coefficients significatifs

Résultats de la détection de QTLs :

Définition	h ²	Groupe	Position	Marqueur le plus proche	Lod-score	% explication
Production juin	0.83	g16	5.8	A131 (4.8)	28.6	51
Production juillet	0.76	g16	5.8	A131 (4.8)	23.5	45
Production août	0.80	g16	5.8	A131 (4.8)	29.5	52
Production septembre	0.73	g16	5.8	A131 (4.8)	33.8	58
Production octobre	0.70	g16	5.8	A131 (4.8)	23.6	45
Production cumulée	0.86	g16	5.8	A131 (4.8)	30.5	54
Pi	0.51	g16	5.8	A131 (4.8)	27.2	49
Pi	0.51	g3	65	AAC CTT 14 (65.4)	4.6	11
Drc	0.40	g16	6.8	A131 (4.8)	28.0	51
W1	0.46	g9	0.0	AAC CTC 8 (0.0)	7.2	16
W2	0.53	g16	5.8	A131 (4.8)	27.6	50

Circonférence et production de latex selon les classes de génotypes déterminées respectivement par les marqueurs des QTLs g3-A312 et g16-A131 :

Circonférence à 5 ans (cm)	Parents	Descendants	Index
ee		30.39	94
ef (RRIM600)	30.90	32.95	102
eg (PB217)	30.22	32.33	100
fg		33.23	103

Production de latex (gramme par arbre et par saignée)	Parents	Descendants	Index
ab (RRIM600)	7.05		92
cd (PB217)	9.42		123
ac		5.24	68
ad		6.98	91
bc		7.83	102
bd		10.62	139



Discussion

Un QTL très proche du marqueur g3-a312 explique 31 % de la variabilité génétique de la circonférence du tronc à 5 ans. Un autre QTL proche du marqueur g16-a131 explique 50 % de la variabilité génétique de la production de latex. Les niveaux de signification sont très élevés (Lod-scores). L'héritabilité élevée de la production de latex est remarquable. Une corrélation positive forte est trouvée entre la production de latex pendant 5 mois, le taux de phosphore inorganique du latex Pi (qui est un indicateur de l'intensité métabolique au sein des cellules laticifères), et la production de la seconde phase d'écoulement W2. Une corrélation négative forte est trouvée entre ces caractères et le taux de caoutchouc sec du latex qui est un indicateur de l'influx hydrique généré dans le laticifère. Un effet de dilution augmente la durée de l'écoulement et donc la production. Ce phénomène classique chez l'hévéa permet de supposer que le QTL commun à la production de latex, à Pi et à Drc ne dépend pas de la famille étudiée ni du contexte environnemental. Selon ces résultats, un seul gène (ou un cluster) pourrait donc induire une réponse majeure au stress abiotique de blessure de la saignée (impliquant une biosynthèse d'éthylène), avec un effet sur le métabolisme énergétique et sur l'influx d'eau dans le laticifère, comme cela se produit lors de la stimulation éthylénique artificielle.

Références

- [1] Le Guen, V., D. Garcia, C. Mattos, R. R. F. Doare, D. Lespinasse, and M. Seguin. 2007. Bypassing of a polygenic *Microcyclus ulei* resistance in rubber tree, analyzed by QTL detection. New Phytologist 173:335-345
- [2] Rattanawong, R. 2006. Detection of Quantitative Traits Loci (QTL) in *Hevea brasiliensis* Müll.Arg. for analysing the genetic determinism of some physiological and technological traits related with latex production and rubber quality. Ph.D. research proposal, Kasetsart University, Rrit-Doa, Cirad.
- [3] Patterson, H. D., and Williams, E. R. (1976). A new class of resolvable incomplete block designs (alpha-plans). Biometrika (1976), 63, 1, pp. 83-92.

Remerciements

Nous remercions Agropolis et le Comité Mixte Franco-Thai pour la Recherche et l'Enseignement Supérieur, pour leur soutien financier concernant la cartographie génétique et la mobilité des chercheurs entre la France et la Thaïlande.